

Europäisches Patentamt  
European Patent Office  
Office européen des brevets



(11) **EP 0 885 962 A1**

(12) **EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG**

(43) Veröffentlichungstag:  
23.12.1998 Patentblatt 1998/52

(51) Int. Cl.<sup>6</sup>: **C12N 15/31, C12N 1/21,  
C12P 13/12, C07K 14/245**

(21) Anmeldenummer: 98109269.5

(22) Anmeldetag: 22.05.1998

(84) Benannte Vertragsstaaten:  
**AT BE CH CY DE DK ES FI FR GB GR IE IT LI LU  
MC NL PT SE**  
Benannte Erstattungsstaaten:  
**AL LT LV MK RO SI**

(30) Priorität: 19.06.1997 DE 19726083

(71) Anmelder:  
Consortium für Elektrochemische Industrie  
GmbH  
81379 München (DE)

(72) Erfinder:  
• Winterhalter, Christopher, Dr.  
82343 Pöcking (DE)  
• Leinfelder, Walfred, Dr.  
81549 München (DE)

(74) Vertreter: Potten, Holger et al  
Wacker-Chemie GmbH  
Zentralabteilung Patente,  
Marken und Lizenzen  
Hanns-Seidel-Platz 4  
81737 München (DE)

(54) **Mikroorganismen und Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin oder Thiazolidinderivaten**

(57) Die Erfindung betrifft Mikroorganismen und Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin oder Thiazolidinderivaten.

Der erfindungsgemäße Mikroorganismenstamm, der zur fermentativen Herstellung von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin und/oder Thiazolidinderivaten geeignet ist, ist dadurch gekennzeichnet, daß er mindestens ein Gen kodierend für ein Protein, welches direkt zur Ausschleusung von Antibiotika oder anderen für den Mikroorganismus toxischen Stoffen aus der Zelle geeignet ist, überexprimiert.

EP 0 885 962 A1

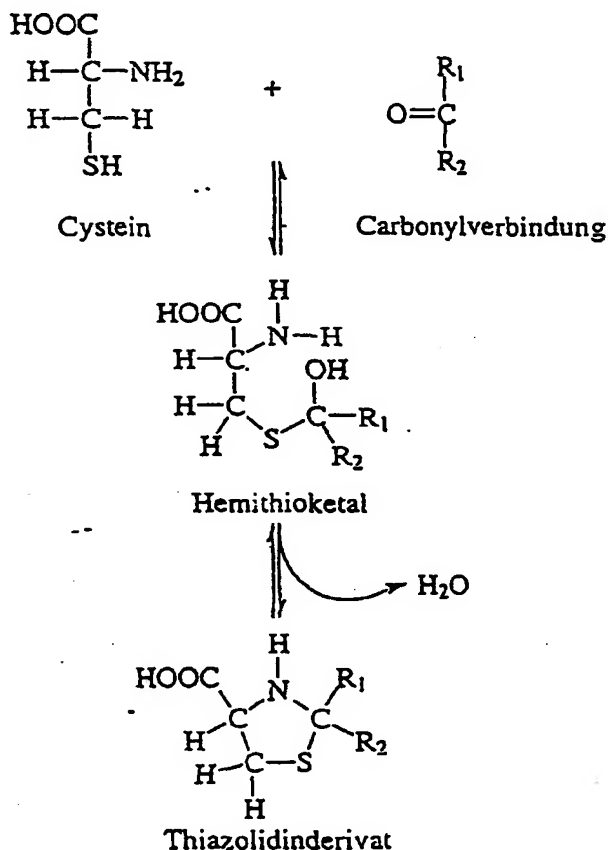
## Beschreibung

Die Erfindung betrifft Mikroorganismen und Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin oder Thiazolidinderivaten.

Die fermentative Herstellung von Aminosäuren ist inzwischen für viele Aminosäuren Stand der Technik. Es existiert bisher jedoch kein wirtschaftliches fermentatives Verfahren für die Herstellung von L-Cystein.

Thiazolidinderivate und die entsprechenden Hemithioketale entstehen allgemein bei der Kondensation von Cystein mit Ketonen oder Aldehyden. Die chemische Kondensation von Cystein mit verschiedenen Ketonen oder Aldehyden, insbesondere mit  $\alpha$ -Ketosäuren, ist schon lange bekannt. Die Kondensation erfolgt über das Hemithioketal als Zwischenstufe, das durch den nukleophilen Angriff des freien Elektronenpaares des Schwefels am positivierten Kohlenstoffatom der Aldehyd- oder Ketogruppe entsteht. Ein Ringschluß unter Wasserabspaltung führt dann zum entsprechenden Thiazolidinderivat.

Im folgenden Schema ist die Bildung von Thiazolidinderivaten allgemein dargestellt:



(Formel I)

R<sub>1</sub> und R<sub>2</sub> können dabei beliebige organische Reste bedeuten.

Die Edukte stehen somit über das Hemithioketal mit dem Thiazolidinderivat im Gleichgewicht. Daher kommt in wäßriger Lösung neben dem Thiazolidinderivat im allgemeinen auch das Hemithioketal vor.

Im Sinne der vorliegenden Erfindung ist mit "Thiazolidinderivat" auch ein Gleichgewicht dieser Substanzen mit dem dazugehörigen Hemithioketal gemeint.

Thiazolidine wurden bisher nicht als direkte Metaboliten von Zellen beschrieben. Alle Berichte von Thiazolidinbildungen durch Zellen beruhen auf der übermäßigen externen Zugabe von einem der Edukte, meistens von L-Cystein, das dann durch Desulphydrierung und Desaminierung in Pyruvat umgewandelt wird, welches wiederum mit dem zugegebenen Cystein reagiert. (Ronald C. Simpson et al., *Biochimica et Biophysica Acta*, 496 (1977), 12-19). Kredich et al. beschrieben in *J. of Biol. Chem.* 248, 17: 6187-6196, die in vitro Bildung von 2-Methyl-2,4-Thiazolidindicarbonsäure bei einer enzymatischen Desulphydrierung von L-Cystein, halten jedoch die Bildung dieser Substanz in vivo für äußerst unwahrscheinlich.

Es ist bekannt, Thiazolidine als racemische Vorstufen für die Herstellung von L-Cystein durch Biotransformation zu verwenden (EP-A 0 101 052, Ok Hee Ryu et al., *Biotechnology Letters* 17 Nr. 3, 275-280 (März 1995)). Wenn das Racemat zur Herstellung von L-Cystein eingesetzt wird, muß dies durch Enzyme oder ganze Zellen stereoselektiv zu L-Cystein umgewandelt werden. Die verbleibenden Diastereomere müssen anschließend wieder racemisiert werden. Diese Biotransformation ist aus diesen Gründen mit hohen Kosten belastet.

Die chemische Synthese von Thiazolidinen aus racemischem Cystein und einem entsprechenden Keton oder Aldehyd führt zu vier verschiedenen Diastereomeren. Eine chemische Synthese aus enantiomerenreinem L-Cystein ist teuer und zum Zweck der anschließenden Gewinnung von L-Cystein unsinnig. Daher leidet ein Verfahren zur Herstellung von Thiazolidindiastereomeren, die am C4-Atom die R-Konfiguration aufweisen unter den hohen Kosten der Edukte.

Die vorliegende Erfindung betrifft Mikroorganismen die zur fermentativen Herstellung von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin und/oder Thiazolidinderivaten geeignet sind.

Ein erfindungsgemäßer Mikroorganismenstamm ist dadurch gekennzeichnet, daß er mindestens ein Gen kodierend für ein Protein welches direkt zur Ausschleusung von Antibiotika oder anderen für den Organismus toxischen Stoffen aus der Zelle geeignet ist überexprimiert.

Unter für den Organismus toxischen Stoffen sind im Sinne der Erfindung vorzugsweise Verbindungen zu verstehen, die das Wachstum des Organismus negativ beeinflussen. Solche Verbindungen sind beispielsweise Carbonsäuren oder Carbonsäurederivate in hohen intrazellulären Konzentrationen.

Gene, die Proteine kodieren, welche direkt zur Ausschleusung von Antibiotika und anderen toxischen Stoffen aus der Zelle geeignet sind oder die Bildung von solchen Proteinen veranlassen, werden im folgenden als Efflux-Gene bezeichnet.

Die Erfindung betrifft somit auch die Verwendung von Efflux-Genen zur verstärkten Expression von Aminosäuren oder intrazellulär gebildeten Aminosäurederivaten in der Fermentation.

Als Efflux-Gen wird im erfindungsgemäßen Mikroorganismus vorzugsweise mindestens ein Gen ausgewählt aus der Gruppe mar-Locus (S.P. Cohen et al., *Journal of Bacteriology*, Mar. 1993, 175: 5, 1484-1492), emr-Locus, acr-Locus, cmr-Locus (siehe P.F. Miller und M.C. Sulavik, *Molecular Microbiology* (1996) 21 (3), 441-448), mex-Gene (T. Köhler et al., *Molecular Microbiology* (1997) 23(2), 345-354), bmr-Gen (A.A. Neyfakh et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 88: 4781-4785 (1991)), qacA-Gen (J.M. Tennent et al., *J. Gen. Microbiol.* 135: 1-10 (1989)) überexprimiert.

Bevorzugt werden im erfindungsgemäßen Mikroorganismus als Efflux-Gene die des mar-Locus überexprimiert.

Insbesondere bevorzugt wird im erfindungsgemäßen Mikroorganismus ein Gen überexprimiert, das für ein Protein umfassend die Sequenz MSR KDGVLALLVV VVWGLNFVVI KVGLHNMPRL MLAGLRFMLV (SEQ ID: 1) oder eine Sequenz mit einer Sequenzhomologie zu SEQ ID: 1 größer 50 % kodiert.

Vorzugsweise ist die Sequenzhomologie zu SEQ ID: 1 größer 75 %, besonders bevorzugt ist die Sequenzhomologie zu SEQ. ID. NO: 1 größer 90%.

Die Erfindung betrifft somit auch Gene kodierend für ein Protein umfassend die Sequenz MSR KDGVLALLVV VVWGLNFVVI KVGLHNMPRL MLAGLRFMLV (SEQ. ID. NO: 1) oder eine Sequenz mit einer Sequenzhomologie zu SEQ. ID. NO: 1 größer 50%.

Die Erfindung betrifft ferner Proteine umfassend die Sequenz MSR KDGVLALLVV VVWGLNFVVI KVGLHNMPRL MLAGLRFMLV (SEQ. ID. NO: 1) oder eine Sequenz mit einer Sequenzhomologie zu SEQ. ID. NO: 1 größer 50 %.

Vorzugsweise ist die Sequenzhomologie zu SEQ. ID. NO: 1 größer 75 %, besonders bevorzugt ist die Sequenzhomologie zu SEQ. ID. NO: 1 größer 90%.

Beispielsweise können erfindungsgemäße Proteine die folgende Sequenz besitzen:

1 MKFRGGRMSR KDGVLALLVV VVWGLNFVVI KVGLHNPRL MLAGLRFMLV

5 51 APPAIFFFVAR PKVPLNLLLG YGLTISFAQF AFLFCAINFG MPAGLASLVL

101 QAQAFFTIML GAFTFGERLH GKQLAGIALA IFGVLVLIED SLNGQHVAML

10 151 GFMLTLAAAF SWACGNIFNK KIMSHSTRPA VMSLVIWSAL IPIIPFFVAS

15 201 LILDGSATMI HSLVTIDMTT ILSLMYLAFV ATIVGYGIWG TLLGRYETWR

251 VAPLSLLVPV VGLASAALLL DERLTGLQFL GAVLIMTGly INVFLRWK

20 301 AVKVG\* (SEQ. ID. NO: 2)

25 Der offene Leserahmen, der für das Protein mit der Aminosäuresequenz gemäß SEQ. ID. NO: 2 kodiert, wird im folgenden auch als ORF 306 bezeichnet.

Ein weiteres Beispiel für ein erfindungsgemäßes Protein gibt die folgende Sequenz wieder.

30 1 MSR KDGVLALLVV VVWGLNFVVI KVGLHNPRL MLAGLRFMLV

35 44 APPAIFFFVAR PKVPLNLLLG YGLTISFAQF AFLFCAINFG MPAGLASLVL

40 94 QAQAFFTIML GAFTFGERLH GKQLAGIALA IFGVLVLIED SLNGQHVAML

45 144 GFMLTLAAAF SWACGNIFNK KIMSHSTRPA VMSLVIWSAL IPIIPFFVAS

194 LILDGSATMI HSLVTIDMTT ILSLMYLAFV ATIVGYGIWG TLLGRYETWR

50 244 VAPLSLLVPV VGLASAALLL DERLTGLQFL GAVLIMTGly INVFLRWK

294 AVKVG\* (SEQ. ID. NO: 3)

55 Erfindungsgemäße Proteine sind auch solche Proteine die eine Aminosäuresequenz mit einer Sequenzhomologie auf Aminosäureebene größer als 50 % zur Aminosäuresequenz gemäß SEQ. ID. NO: 2 oder SEQ. ID. NO: 3 besitzen.

Vorzugsweise ist die Sequenzhomologie der erfindungsgemäßen Proteine zu SEQ. ID. NO: 2 oder SEQ. ID. NO: 3 größer 75 %, besonders bevorzugt ist die Sequenzhomologie zu SEQ. ID. NO: 2 oder SEQ. ID. NO: 3 größer 90%.

Erfindungsgemäße Gene sind daher auch solche Gene, die für Proteine mit einer Aminosäuresequenz gemäß SEQ. ID. NO: 2 oder SEQ. ID. NO: 3 oder eine Aminosäuresequenz mit einer Sequenzhomologie auf Aminosäureebene größer als 50 %, vorzugsweise 75 %, besonders bevorzugt 90% zur Aminosäuresequenz gemäß SEQ. ID. NO: 2 oder SEQ. ID. NO: 3 kodieren.

In der vorliegenden Erfindung beziehen sich alle erwähnten Homologiewerte auf Ergebnisse, die mit dem Computerprogramm "Wisconsin Package Version 9.0, Genetics Computer Group (GCG), Madison, Wisconsin" erhalten werden. Die Homologiebestimmung erfolgt durch eine Suche in der Datenbank mit dem Unterprogramm "fasta" und den voreingestellten Werten (word size 2). Die ähnlichsten Sequenzen werden dann mit dem Unterprogramm "gap" auf Homologie untersucht. Hierbei werden die voreingestellten Parameter "gap creation penalty 12" und "gap extension penalty 4" verwendet.

Ein weiteres Beispiel für die Überexpression eines erfindungsgemäßen Gens zur Steigerung der Cysteinbildung ist die Überexpression eines 5,5 kb langen DNS-Fragments, das auch für den mar-Locus kodiert. Dieses Plasmid mit der Bezeichnung 100-1-1 wurde bei der DSMZ Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, D-38124 Braunschweig in E.coli K12 W3110 unter der Nummer DSM 11545 hinterlegt. Fig. 1 zeigt eine Plasmidkarte dieses Plasmids. Dieses Plasmid kann zur Amplifikation von erfindungsgemäßen Gene mittels PCR genutzt werden.

Eine gezielte weitere Modifikation dieser Gene an jeweils gewünschter Position der Sequenz mittels bekannter Verfahren, beispielsweise der Technik der site directed Mutagenese ist dem Fachmann geläufig. Auch Mikroorganismen, die derart modifizierte Gene erhalten sind demnach erfindungsgemäß solange die derart modifizierten Gene zur Herstellung von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin und/oder Thiazolidinderivaten beitragen.

Unter Überexpression ist im Sinne der Erfindung zu verstehen, daß die Expression des Proteins im erfindungsgemäßen Mikroorganismus mindestens doppelt so stark erfolgt wie im Wildtyp aus dem das Protein stammt.

Vorzugsweise erfolgt die Expression des Proteins im erfindungsgemäßen Mikroorganismus mindestens fünfmal so stark wie im Wildtyp, besonders bevorzugt mindestens zehnmal so stark wie im Wildtyp aus dem das Protein stammt.

Ohne eine Überexpression der genannten Gene beispielsweise durch unabhängige Transkription durch einen gesonderten Promotor oder beispielsweise ohne Anwesenheit des für MarA kodierenden Gens in vielen Kopien auf einem Plasmid ist keine deutliche Ausbeutesteigerung für L-Cystein oder Thiazolidinderivate gegenüber dem Ausgangsstamm zu beobachten.

Die Ausbeutesteigerung durch die Überexpression der genannten Sequenzen war um so überraschender, als das in der Literatur beschriebene Genprodukt des offenen Leserahmens ORF266 dessen Sequenz ab dem Methionin in Position 41 in SEQ. ID. NO: 2 der Sequenz SEQ. ID. NO: 4 entspricht, bei Überexpression nicht zu einer Ausbeutesteigerung an L-Cystein führt.

In der oben dargestellten von ORF306 abgeleiteten Aminosäuresequenz ist das Startmethionin von ORF266 fett gedruckt und unterstrichen.

Dem Fachmann sind eine Reihe von Verfahren bekannt, die Überexpression eines Gens zu erreichen. Eine Möglichkeit ist beispielsweise die Expression des Gens auf einem Plasmid, das mit einer erhöhten Kopiezahl in der Zelle vorliegt. Solche Plasmide sind bekannt. Beispielsweise seien genannt pACYC177, pACYC184, Derivate von pACYC184, pBR322, andere pBR-Derivate, pBlueskript, pUC18, pUC19 sowie andere in Escherichia coli herkömmlich verwendete Plasmide.

Bevorzugte Plasmide zur erfindungsgemäßen Überexpression sind pACYC177, pACYC184, Derivate von pACYC184, pBR322 und andere pBR-Derivate.

Besonders bevorzugt werden pACYC184 und dessen Derivate wie beispielsweise pACYC184-LH (hinterlegt bei der DSMZ Deutschen Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH, D-38124 Braunschweig unter der Nummer DSM 10172).

Die Erfindung betrifft somit auch Plasmide enthaltend erfindungsgemäße Gene.

Weitere Möglichkeiten für eine Expressionsverstärkung sind die Erhöhung der Kopienzahl eines Efflux-Gens durch eine Amplifizierung des Genabschnitts im Chromosom oder die Verwendung von starken Promotoren zur besseren Transkription des Efflux-Gens.

Als starke Promotoren sind beispielsweise der GAPDH-Promotor, der tac Promotor ( $p_{tac}$ ), der Lac-Promotor ( $p_{lac}$ ), der trp Promotor ( $p_{trp}$ ), Lambda PL oder Lambda PR geeignet.

Bevorzugt geeignet sind der GAPDH-Promotor oder der tac Promotor ( $p_{tac}$ ).

Besonders bevorzugt geeignet ist der GAPDH-Promotor.

Eine weitere Möglichkeit für eine Expressionsverstärkung ist die Inaktivierung von Repressorgenen, die auf die Expression eines Efflux-Gens hemmend wirken. Für den mar-Genort wäre dies beispielsweise die Inaktivierung des mar R-Gens.

Auch Elemente, die die Translation positiv beeinflussen, tragen zu einer Überexpression des Efflux-Gens bei. Solche Elemente sind beispielsweise eine gute Ribosomenbindungsstelle (z. B. Shine-Dalgarno Sequenz) oder Downst-

ream Box.

Ein bevorzugtes Element, das die Translation positiv beeinflusst ist die gute Ribosomenbindungsstelle des GAPDH-Gens.

Zur Expression der Efflux-Gene werden diese in einen Mikroorganismus transformiert, der L-Cystein produziert.

Vorzugsweise werden Efflux-Gene in Mikroorganismen transformiert ausgewählt aus der Gruppe Bacillus wie B. subtilis, Corynebacterium wie C. glutamicum, Streptomyces und E. coli.

Vorzugsweise werden die Efflux-Gene in Organismen transformiert, die in ihrem Cysteinstoffwechsel so dereguliert sind, daß es zur Bildung von erhöhten Mengen an L-Cystein und ggf. nachfolgend zur Bildung eines Thiazolidinderivats von L-Cystin oder von N-Acetyl-Serin kommt.

Beispiele für Mikroorganismen die erhöhte Mengen an L-Cystein produzieren sind Mikroorganismen mit feedback-resistentem CysE Allel.

In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform werden Mikroorganismen transformiert, die intrazellulär durch die Kondensation von L-Cystein und einem Keton oder Aldehyd, insbesondere Pyruvat, ein Thiazolidinderivat bilden.

Mikroorganismen, die erhöhte Mengen an L-Cystein produzieren sind beispielsweise in der Patentanmeldung DE 19539952 beschrieben. (DE 19539952 is incorporated by reference)

Verfahren zur Transformation eines Mikroorganismus sind dem Fachmann beispielsweise aus Standardlehrbüchern bekannt. Alle bekannten Verfahren lassen sich zur Herstellung eines erfindungsgemäßen Mikroorganismus anwenden.

Durch eine verstärkte Expression der Efflux-Gene in Mikroorganismen, die Aminosäuren oder intrazellulär gebildete Aminosäurederivate wie beispielsweise L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin oder Thiazolidinderivate hiervon produzieren, kommt es überraschenderweise zu einer verstärkten Ausschleusung von Aminosäuren oder intrazellulär gebildeten Aminosäurederivaten wie z.B. L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin und Thiazolidinderivaten hiervon aus der Zelle. Dadurch werden deutlich höhere Ausbeuten dieser Produkte in der Fermentation erzielt.

Die Erfindung betrifft somit auch Verfahren zur Herstellung von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin oder Thiazolidinderivaten hiervon dadurch gekennzeichnet, daß ein Mikroorganismus der Efflux-Gene überexprimiert in an sich bekannter Art und Weise in der Fermentation eingesetzt wird.

Das erfindungsgemäße Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin oder Thiazolidinderivaten weist mehrere Vorteile auf:

Es entstehen nur Thiazolidindistereomere, die am C4-Kohlenstoffatom nur die R-Konfiguration aufweisen, da durch die Enzymsausstattung der Zelle stereoselektiv L-Cystein entsteht, das dann mit dem jeweiligen verfügbaren Keton oder Aldehyd ausschließlich zu den genannten Thiazolidindistereomeren reagieren kann.

Aus den Thiazolidinen mit der R-Konfiguration am C4-Kohlenstoffatom kann unter Verwendung von herkömmlichen chemischen und biologischen Verfahren und Techniken lediglich durch Gleichgewichtsverschiebung in Richtung der Edukte L-Cystein gewonnen werden.

Überraschenderweise hat sich ferner gezeigt, daß die Herstellung von L-Cystein aus intrazellulär gebildetem Thiazolidinderivat in der Fermentation vorteilhaft ist. Eine nähere Untersuchung dieses überraschenden Sachverhalts führte zu der Erkenntnis, daß die Toxizität des Thiazolidins für die Zelle erheblich niedriger ist, als die Toxizität des L-Cysteins.

Die Erfindung betrifft somit auch Verfahren zur Herstellung von L-Cystein welche dadurch gekennzeichnet sind, daß sich von einem Mikroorganismus intrazellulär gebildetes L-Cystein mit in dem Mikroorganismus intrazellulär vorhandenen Keton oder Aldehyd in diesem Mikroorganismus intrazellulär zu Thiazolidinderivat umsetzt, dieses Thiazolidinderivat mittels eines Proteins welches direkt zur Ausschleusung von Antibiotika oder anderen für den Mikroorganismus toxischen Stoffen aus der Zelle geeignet ist, aus dem Mikroorganismus ausgeschleust wird und ggf. nach Abtrennen des Thiazolidinderivates durch Gleichgewichtsverschiebung des Reaktionsgleichgewichts zwischen L-Cystein und Thiazolidinderivat in Richtung von L-Cystein L-Cystein gewonnen wird.

Eine Möglichkeit zur intrazellulären Bildung eines Thiazolidinderivats ist die Reaktion des L-Cysteins mit einem jeweils intrazellulär vorhandenen Keton oder Aldehyd.

Es sind viele für die Kondensation in Frage kommende Ketone und Aldehyde in den Stoffwechselwegen von Organismen bekannt. In bakteriellen Stoffwechselwegen sind dies unter anderem beispielsweise Pyruvat, Oxalacetat,  $\alpha$ -Ketoglutarat oder Glyoxylat.

Vorzugsweise reagiert L-Cystein mit Pyruvat oder Glyoxylat.

Vorzugsweise bedeutet demgemäß für die im erfindungsgemäßen Verfahren entstehenden Thiazolidinderivate im Schema auf S. 2 mindestens ein Rest  $R_1$  oder  $R_2$  Carboxylgruppe, besonders bevorzugt steht in Formel I  $R_1$  für  $\text{COOH}$  und  $R_2$  für  $\text{CH}_3$ .

Die Edukte für die Kondensation zum Thiazolidinderivat können entweder beide von dem Mikroorganismus gebildet werden oder es wird nur ein Edukt von dem Mikroorganismus gebildet und das zweite Edukt wird während der Fermentation zugegeben.

In einer bevorzugten Ausführungsform der Erfindung werden beide Edukte für die Kondensation zum Thiazolidin-

derivat durch den Mikroorganismus gebildet.

Als Derivatisierungsmittel zur Derivatisierung von Pyruvat, das so dem Gleichgewicht entzogen werden kann, können unter anderem Hydroxylamin oder 2,4-Dinitrophenylhydrazin verwendet werden.

Vorteilhafterweise können im erfindungsgemäßen Verfahren das Thiazolidinderivat (und das entsprechende Hemithioketal) aus einfachen und billigen C- und N- und S-Quellen hergestellt werden.

Es können die, in der Fermentation üblichen C-Quellen, wie beispielsweise Glucose, Lactose, Fructose, Stärke und dergleichen, N-Quellen, wie beispielsweise Ammonium oder Proteinhydrolysate und dergleichen, und S-Quellen, wie beispielsweise Sulfid, Sulfat, Sulfat, Thiosulfat oder Dithionit im erfindungsgemäßen Verfahren in der Fermentation verwendet werden.

Die fermentativ gewonnenen Thiazolidinderivate können nicht nur zur Gewinnung von Cystein eingesetzt werden. Es sind viele Einsatzmöglichkeiten bekannt, die die fermentativ hergestellten Thiazolidinderivate mit der R-Konfiguration am C4-Kohlenstoffatom als Ausgangsprodukt für weitergehende Synthesen (building block) verwenden können.

Die folgenden Beispiele dienen zur weiteren Erläuterung der Erfindung.

Die quantitative Bestimmung an Thiazolidinderivat/Hemithioketal ist nur indirekt möglich. Sie erfolgte in den Beispielen durch die Cysteinbestimmung nach Gaitonde, M. K. (1967), Biochem. J. 104, 627 - 633. Durch die Derivatisierung des Cysteins im stark Säuren mit Ninhydrin wird dies dem Gleichgewicht entzogen. Somit reagiert das Hemithioketal und schließlich auch das Thiazolidinderivat nach. Nach etwa 10 Minuten bei 100 °C wird das gesamte Thiazolidinderivat und das dazugehörige Hemithioketal in das Cystein-Ninhydrinderivat überführt, das dann bei 560 nm quantifiziert werden kann. Freies Cystein wird hierbei miterfaßt.

Die Menge an freien SH-Gruppen und somit freiem Cystein allein wurde durch den von Sang-Han Lee et al., Biochemical and Biophysical Research Communications, Vol. 213, Nr. 3 (1995), Seiten 837ff beschriebenen Test mittels 5,5'-Dithiobis-2-nitrobenzoesäure (DTNB) bestimmt.

Bei einer Bildung von freiem L-Cystein wird dies durch den eingebrachten Luftsauerstoff während der Fermentation zum L-Cystin oxidiert. Cystin ist im wässrigen Milieu bei pH 7,0 schwer löslich und fällt als weißes Pellet aus. Bei Ausbildung eines unlöslichen Cystinpellets wurde dies in halbkonzentrierter HCl aufgelöst und ebenfalls unter reduzierenden Bedingungen mit Dithiothreitol (DTT) im oben erwähnten Test vermessen.

Im Beispiel 3 sind als Fermentationsergebnisse die im Überstand mit dem Test nach Gaitonde gemessenen Mengen an "Gesamtcystein" angegeben. Dies sind hierbei vor allem 2-Methyl-thiazolidin-2,4-dicarbonsäure, das zugehörige Hemithioketal, freies L-Cystein und gelöstes Cystin. Ausgefallenes Cystin wurde gesondert quantifiziert und angegeben.

Die leichte Fällbarkeit, der in der Ausführungsform der vorliegenden Erfindung entstehenden 2-Methyl-thiazolidin-2,4-dicarbonsäure mittels zweiwertiger Metallionen kann beim Nachweis für die Entstehung dieses Derivats ausgenutzt werden. Bisher wurde nur die Fällbarkeit mit Zinkacetat beschrieben (Schubert et. al, siehe obige Literaturstelle). Eine Fällung mit anderen zweiwertigen Metallionen, wie Magnesium, Eisen, Kupfer, Zink, Mangan, Cobalt und dergleichen ist aber ebenfalls möglich. Die Fällung und anschließende Identifizierung des gebildeten Thiazolidinprodukts ist in Beispiel 4 beschrieben. Hier wird auch gezeigt, daß nach 24 Stunden Fermentationszeit das Hauptprodukt 2-Methyl-thiazolidin-2,4-dicarbonsäure ist. Die leichte Fällbarkeit ist nicht nur bei der Analyse des Fermentationsprodukts hilfreich, sondern auch bei der Aufreinigung des Produkts von Nutzen.

#### Beispiel 1

##### Amplifizierung der Allele durch PCR

##### A. Amplifizierung der *cysE*-Allele

Die im folgenden verwendeten *cysE*-Allele, *cysEIV* und *cysEX*, sind in DE 19539952 Beispiel 2/10 beschrieben.

Die Herstellung der dort erwähnten Mutationen ist durch die Verwendung der ortsspezifischen Mutagenese möglich. Kits zur Durchführung der Mutagenese sind im Handel beispielsweise von Stratagene (Stratagene GmbH, Postfach 105466, D-69044 Heidelberg) unter den Handelsnamen ExSite oder Chameleon erhältlich.

Nach Durchführung der ortsspezifischen Mutagenese wurden die erhaltenen Allele mittels der Polymerasekettenreaktion (PCR) (Saiki et al. 1988, Science 239: 487-491) aus der jeweiligen DNS mittels folgender Primer amplifiziert.

cysE-fw: (SEQ. ID. NO: 5)

5'-TGG ACC AGA GCT CTG GCT GGC GCA TCG CTT CGG CGT TG-3'

SacI

cysE-rev: (SEQ. ID. NO: 6)

5'-CTC GAT GCA TTA CGT AGG GGT ATC CGG GAG CGG TAT TG-3'

NsiI

Die PCR-Experimente wurden in 30 Zyklen in Gegenwart von 200 µM Deoxynukleotidtriphosphaten (dATP, dCTP, dGTP, dTTP), je 1 µM des entsprechenden Oligonukleotids, 100 ng Matrizen-DNS mit dem jeweiligen cysE-Allel, 1/10 10fach Reaktionspuffer (100 mM KCl, 100 mM (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>, 200 mM Tris-HCl (pH 8,8), 20 mM MgSO<sub>4</sub>, 1 % Triton X-100 und 1000 µg/ml BSA) und 2,5 Einheiten einer hitzestabilen, rekombinanten Pfu-DNS-Polymerase (Stratagene) in einem Thermocycler (Gene-ATAQ-Controler, Pharmacia) unter folgenden Bedingungen durchgeführt: 94°C für 1 min, 60 °C für 1 min und 72 °C für 3 min.

Das Amplifizierungsprodukt wurde mit SacI und NsiI (beide von Boehringer Mannheim GmbH) unter den vom Hersteller angegebenen Bedingungen hydrolysiert, über ein 1 % Agarosegel aufgetrennt und mit Hilfe der GeneClean-Methode (GeneClean Kit BIO101 P.O. Box 2284 La Jolla, California, 92038-2284) nach den Angaben des Herstellers aus dem Agarosegel als etwa 1,0 kb großes Fragment isoliert. Bis zur weiteren Verwendung wurde das Fragment bei -20°C gelagert.

#### B. Amplifizierung des mar-Locus

Der mar-Locus von Escherichia coli wurde mittels PCR amplifiziert. Das Verfahren zur Gewinnung der Amplifikate ist dasselbe, wie es in Beispiel 1 Abschnitt A beschrieben wurde. Als Matrizen-DNS wurde die chromosomale DNS aus Escherichia coli W3110 (ATCC 27325) verwendet. Als Matrizen DNS ist das Plasmid 100-1-1 (DSM 11545) ebenso geeignet. Die Lyse der Zellen und die Reinigung der chromosomalen DNS erfolgte nach dem in Ausubel et al., 1987, 2.4.1 - 2.4.2, Current Protocols in Molecular Biology, Greene Publishing Associates and Wiley-Interscience, beschriebenen Protokoll. Folgende Primer wurden für die Amplifizierung des mar-Locus verwendet:

mar-fw: (SEQ. ID. NO: 7)

5'-TTT GGC GCG CCG ATC AGC GGC GGC GCA ACC ATC AG-3'

AscI

mar-rev: (SEQ. ID. NO: 8)

5'-GCC TTA ATT AAG ATC GAC ACT CAG GCT GTA CTG GCG AC-3'

PacI



Die Amplifizierung des mar-Locus führte zu einem etwa 3 kb großen Fragment, das wie in Beispiel 1 Abschnitt A beschrieben gereinigt wurde. Der nachfolgende Restriktionsverdau wird mit den Enzymen *Ascl* und *PacI* (beide von New England Biolabs GmbH, Postfach 2750, D-65820 Schwalbach/Taunus) gemäß den Anleitungen und mit den Puffern des Herstellers durchgeführt. Nach der Reinigung des Fragments durch Agarosegelelektrophorese wurde es bei -20°C gelagert.

#### C. Amplifizierung der ORF306-DNS

Die für den ORF306 kodierende DNS wurde wie in Beispiel 1 Abschnitt A beschrieben über PCR amplifiziert. Als Matrizen-DNS wurde die in Beispiel 1 Abschnitt B isolierte chromosomale DNS aus *E. coli* W3110 (ATCC 27325) verwendet. Als Matrizen-DNS ebenso geeignet ist das Plasmid 100-1-1 (DSM 11545). Die verwendeten Primer sind folgende:

ORF306-fw: (SEQ. ID. NO: 9)

5'-GGA ATT CAT TAA TCC GGC GAC TAA CGA ATC AAC TG-3'  
AsnI

ORF306-rev: (SEQ. ID. NO: 10)

5'-GCC TTA ATT AAC GCT ATG TAG TTT GTT CTG GCC CCG-3'  
PacI

Das amplifizierte DNS-Fragment ist etwa 1,05 kb groß und wurde, wie beschrieben, durch Agarosegelelektrophorese gereinigt. Ein anschließender Restriktionsverdau mit den Enzymen *AsnI* (Boehringer Mannheim) und *PacI* (New England Biolabs) führte nach einer Enzymentfernung zum gewünschten DNS-Fragment. Dies wurde bis zur Verwendung bei -20°C gelagert.

#### D. Amplifizierung des für den GAPDH-Promotor kodierenden DNS Fragments

Zur wirksamen Transkription des ORF306 wurde der Promotor des Glycerinaldehyd-3-phosphatdehydrogenasegens verwendet. Dieses gewünschte DNS-Fragment wurde ebenfalls mittels PCR gewonnen.

Als Matrizen-DNS diente wieder die chromosomale DNS aus *Escherichia coli* W3110 (ATCC 27325). Als Matrizen-DNS ebenso geeignet ist das Plasmid 100-1-1. Es wurden folgende Primer verwendet:

GAPDH-fw: (SEQ. ID. NO: 11)

5'-GTC GAC GCG TGA GGC GAG TCA GTC GCG TAA TGC-3'  
MluI

GAPDH-rev: (SEQ. ID. NO: 12)

5'-GAC CTT AAT TAA GAT CTC ATA TGT TCC ACC AGC TAT TTG TTA G-3'  
PacI NdeI

Das erhaltene DNS Fragment mit etwa 0,3 kb wurde durch eine Agarosegelelektrophorese isoliert und gereinigt, wie in Bsp. 1 Abschnitt A beschrieben. Ein anschließender Restriktionsverdau mit den Enzymen *MluI* und *PacI* führte zum gewünschten DNS-Fragment. Nach der Entfernung der Restriktionsenzyme wurde die DNS bei -20°C gelagert.

## Beispiel 2

## Konstruktion der erfindungsgemäßen Plasmide

Als Basisplasmid zur Konstruktion der erfindungsgemäßen Plasmide wurde das Plasmid pACYC184 verwendet. Dieses Plasmid wurde modifiziert, wie in DE 19539952 beschrieben, und als Plasmid pACYC184-LH unter der Hinterlegungsnummer DSM 10172 bei der Deutschen Sammlung für Mikroorganismen in Braunschweig hinterlegt.

Eine Restriktions- und Funktionskarte von Plasmid pACYC184-LH ist in Figur 2 gezeigt. Das Plasmid pACYC184-LH trägt einen Polylinker. Dieser Polylinker weist folgende Restriktionsschnittstellen auf:

NotI - NcoI - SacI - NsiI - MluI - PacI - NotI

In diesen Linker wurden die in Beispiel 1 durch PCR und anschließenden Restriktionsverdau gewonnenen DNS-Fragmente ligiert.

## A. Konstruktion der Kontrollplasmide pACYC184/cysEIV und pACYC184/cysEX

Die Herstellung der Plasmide pACYC184/cysEIV und pACYC184/cysEX ist in der DE 19539952 Bsp 3 beschrieben und im folgenden kurz zusammengefaßt:

Etwa 1 µg des Plasmids pACYC184-LH (DSM 10172) wurde mit den Restriktionsenzymen SacI und NsiI nach den Angaben des Herstellers (Boehringer Mannheim) verdaut. Die verdauten DNS wurde anschließend durch eine Agarosegelelektrophorese zur Entfernung der Enzyme gereinigt, wie dies vorher beschrieben wurde. Die in Beispiel 1 Abschnitt A gewonnenen DNS-Fragmente, die für das jeweilige cysE-Allel kodieren, wurden dann mit dem SacI und NsiI verdauten Plasmid pACYC184-LH äquimolar gemischt und mit 1 µl T4 DNS Ligase und 2 µl 10fach Ligasepuffer (beides Boehringer Mannheim) versetzt und mit sterilem, doppelt destilliertem H<sub>2</sub>O auf ein Gesamtvolumen von 20 µl aufgefüllt. Das Gemisch wurde bei 4°C über Nacht inkubiert und zur Transformation von Escherichia coli W3110 (ATCC 27325) verwendet. Das im folgenden beschriebene Transformationsverfahren wurde bei allen in den Beispielen genannten Transformationen angewendet.

Die Transformation von E. coli W3110 erfolgte mittels Elektroporation. Hierzu wurden 500 ml LB-Medium (10 g Trypton, 5 g Hefeextrakt, 5 g NaCl) in einem 1 l Erlenmeyerkolben mit 1 % (V/V) einer Übernachtskultur in demselben Medium angeimpft. Nach einer Inkubation im Rundschtüttler bei 37°C bis zu einer optischen Dichte von 0,5-0,6 bei 600 nm wurden die Zellen durch eine Zentrifugation bei 4°C in einem sterilen Becher geerntet. Alle weiteren Schritte wurden nun auf Eis und unter Einhaltung steriler Bedingungen durchgeführt. Das Zellpellet wurde nun zweimal mit 500 ml eiskaltem, sterilem, doppelt destilliertem H<sub>2</sub>O gewaschen und schließlich in 30 ml 10 % (V/V) sterilem Glycerin resuspendiert. Nach einer weiteren Zentrifugation wurde das Zellpellet in 500 µl 10 % (V/V) Glycerin aufgenommen und in 200 µl Aliquots bei -80°C gelagert. Für die Transformation wurden die Zellen auf Eis aufgetaut, mit etwa 10-100 ng DNS versetzt und in eine sterile Elektroporationsküvette (BioRad) gegeben. Die Küvette wurde in den Gene Pulser (BioRad) gestellt und bei einer Spannung von 2500 Volt, einem Parallelwiderstand von 200 Ohm und einer Kapazität von 25 µF elektroporiert. Anschließend wurden die Zellen in 1 ml SOC Medium (Caseinpepton 20,0 g/l, Hefeextrakt 5,0 g/l, NaCl 0,58 g/l, KCl 0,19 g/l, MgCl<sub>2</sub> 2,03 g/l, MgSO<sub>4</sub> 2,46 g/l, Glukose 3,60 g/l, pH = 7,0) resuspendiert und für eine Stunde bei 37°C geschüttelt. Danach wurden die Zellen entsprechend verdünnt, auf LB-Agarplatten (10 g/l Trypton, 5 g/l Hefeextrakt, 5 g/l NaCl, 15 g/l Agar, pH = 7,2) ausplattiert und über Nacht bei 37°C inkubiert, bis Einzelkolonien sichtbar wurden.

Die gewünschten Transformanten wurden nach einer Plasmidisolierung mittels QIAprep Spin Plasmid Kit (Qiagen GmbH, Max-Volmer-Straße 4, D-40724 Hilden) durch eine Restriktionsanalyse identifiziert. Sie wurden in Beispiel 3 als Kontrolle in der Fermentation verwendet.

Die Plasmide pACYC184/cysEIV und pACYC184/cysEX sind in Figur 3 dargestellt.

## B. Konstruktion der Plasmide pACYC184/cysEIV-mar und pACYC184/cysEX-mar

Jeweils 1 µg der in Beispiel 2 Abschnitt A konstruierten Plasmide pACYC184/cysEIV und pACYC184/cysEX wurde nacheinander mit den Restriktionsenzymen MluI (Boehringer) und PacI (New England Biolabs) gemäß den Angaben der Hersteller verdaut. Nach diesem Restriktionsverdau wurde die DNS durch eine Agarosegelelektrophorese isoliert und gereinigt, wie dies in Beispiel 1 Abschnitt A beschrieben wurde. Etwa 20 ng der MluI-PacI verdauten Vektoren pACYC184/cysEIV bzw. pACYC184/cysEX wurden jeweils mit 200 ng des in Beispiel 1 Abschnitt A hergestellten DNS Fragments, 1 µl T4 DNS Ligase (Boehringer Mannheim) und 2 µl 10fach Ligasepuffer (Boehringer Mannheim) und der erforderlichen Menge sterilem, doppelt destilliertem H<sub>2</sub>O in einem Endvolumen von 20 µl gemischt. Nach einer Inkubation über Nacht bei 4°C wurden die zwei DNS-Gemische zur Transformation von Escherichia coli W3110 (ATCC 27325)

verwendet. Nach einer Plasmidisolierung mittels QIAprep Spin Plasmid Kit (Qiagen GmbH) und einer Restriktionsanalyse wurden die gewünschten Transformanten isoliert und in der Fermentation eingesetzt, wie dies in Beispiel 3 beschrieben ist. Eine Restriktions- und Funktionskarte der Plasmide pACYC184/cysEIV-mar bzw. pACYC184/cysEX-mar ist in Figur 4 gezeigt.

#### C. Konstruktion der Plasmide pACYC184/cysEIV-GAPDH und pACYC184/cysEX-GAPDH

Die in Beispiel 2 Abschnitt A konstruierten Plasmide pACYC184/cysEIV und pACYC184/cysEX wurden jeweils mit den Restriktionsenzymen MluI (Boehringer Mannheim) und PacI (New England Biolabs) gemäß den Angaben der Hersteller verdaut.

Nach der Reinigung dieser so behandelten Plasmide wurden jeweils mit dem in Beispiel 1 Abschnitt D hergestellten DNS Fragment zwei Ligationen angesetzt, wie dies in Beispiel 2 Abschnitt B beschrieben wurde.

Nach einer Inkubation über Nacht bei 4°C wurden die Ligationsansätze in *E. coli* W3110 transformiert. Die richtigen Transformanten wurden nach der Isolierung der Plasmid DNS durch eine Analyse mittels geeigneter Restriktionsenzyme identifiziert.

Die Plasmide pACYC184/cysEIV-GAPDH und pACYC184/cysEX-GAPDH wurden als Ausgangsmaterialien zur Konstruktion der Plasmide pACYC184/cysEIV-GAPDH-ORF306 und pACYC184/cysEX-GAPDH-ORF306 verwendet, wie dies im folgenden Abschnitt D beschrieben ist.

#### D. Konstruktion der Plasmide pACYC184/cysEIV-GAPDH-ORF306 und pACYC184/cysEX-GAPDH-ORF306

Die in Abschnitt C hergestellten Plasmide wurden mit NdeI (Boehringer Mannheim) und PacI (New England Biolabs) gemäß den Angaben der Hersteller verdaut. Nach dem Reinigen der Plasmid DNS wurden mit dem AsnI-PacI geschnittenen DNS Fragment aus Beispiel 1 Abschnitt C, das für den ORF306 kodiert, zwei Ligationen angesetzt.

Nach einer Inkubation über Nacht bei 4°C wurde das DNS Gemisch jeweils in *E. coli* W3110 transformiert und auf LB-Platten ausplattiert. Nach dem Erscheinen der Einzelkolonien wurden diese durch Plasmidisolierung und Restriktionsverdau auf ihre Richtigkeit hin überprüft.

Eine Restriktions- und Funktionskarte der Plasmide pACYC184/cysEIV-GAPDH-ORF306 und pACYC184/cysEX-GAPDH-ORF306 ist in der Figur 5 gezeigt.

#### Beispiel 3

Vergleich der Ausbeuten der erfindungsgemäßen Konstrukte und bekannter Konstrukte in der Fermentation

Alle in der Fermentation verglichenen Plasmide wurden in *E. coli* W3110 fermentiert. So ist gewährleistet, daß die jeweils beobachteten Ausbeutesteigerungen nur aus der erfindungsgemäßen Verwendung der Gene resultieren.

20 ml LB-Medium mit 15 mg/l Tetracyclin wurden in einem Erlenmeyerkolben (100 ml) mit dem jeweiligen *E. coli* Konstrukt beimpft. Nach siebenstündiger Inkubation im Schüttelinkubator (150 Upm, 30°C) wurden die jeweiligen Vorkulturen in 100 ml SM1-Medium überführt (12 g/l  $K_2HPO_4$ , 3 g/l  $KH_2PO_4$ , 5 g/l  $(NH_4)_2SO_4$ , 0,3 g/l  $MgSO_4 \times 7 H_2O$ , 0,015 g/l  $CaCl_2 \times 2 H_2O$ , 0,002 g/l  $FeSO_4 \times 7 H_2O$ , 1 g/l  $Na_3Citrat \times 2 H_2O$ , 0,1 g/l NaCl, 1 ml/l Spurenelementlösung, bestehend aus 0,15 g/l  $Na_2MoO_4 \times 2 H_2O$ , 2,5 g/l  $H_3BO_3$ , 0,7 g/l  $CoCl_2 \times 6 H_2O$ , 0,25 g/l  $CuSO_4 \times 5 H_2O$ , 1,6 g/l  $MnCl_2 \times 4 H_2O$ , 0,3 g/l  $ZnSO_4 \times 7 H_2O$ ), das mit 5 g/l Glucose, 5 mg/l Vitamin B1 und 15 mg/l Tetracyclin supplementiert war. Die Kulturen wurden in Erlenmeyerkolben (1 l) bei 30 °C für 17 h mit 150 Upm geschüttelt. Nach dieser Inkubation betrug die optische Dichte bei 600 nm ( $OD_{600}$ ) zwischen 3 und 5.

Die Fermentation wurde in Fermentern BIOSTAT M der Firma Braun-Melsungen durchgeführt. Es wurde ein Kulturgefäß mit 2 l Gesamtvolumen verwendet. Das Fermentationsmedium enthält 15 g/l Glucose, 10 g/l Trypton (Difco), 5 g/l Hefeextrakt (Difco), 5 g/l  $(NH_4)_2SO_4$ , 1,5 g/l  $KH_2PO_4$ , 0,5 g/l NaCl, 0,3 g/l  $MgSO_4 \times 7 H_2O$ , 0,015 g/l  $CaCl_2 \times 2 H_2O$ , 0,075 g/l  $FeSO_4 \times 7 H_2O$ , 1 g/l  $Na_3Citrat \times 2 H_2O$  und 1 ml Spurenelementlösung (siehe oben), 0,005 g/l Vitamin B1 und 15 mg/l Tetracyclin. Der pH-Wert im Fermenter wurde zu Beginn durch Zupumpen einer 25%  $NH_4OH$ -Lösung auf 7,0 eingestellt. Während der Fermentation wurde der pH-Wert durch automatische Korrektur mit 25 %  $NH_4OH$  auf einem Wert von 7,0 gehalten. Zum Animpfen wurden 100 ml Vorkultur in das Fermentergefäß gepumpt. Das Anfangsvolumen betrug etwa 1 l. Die Kulturen wurden zunächst mit 200 rpm gerührt und mit 1,5 vvm einer über einen Sterilfilter entkeimten Preßluft begast. Die Luftsauerstoffsättigung wurde während der Fermentation auf 50 % eingestellt. Die Kontrolle erfolgte automatisch über die Rührgeschwindigkeit. Die Fermentation wurde bei einer Temperatur von 30 °C durchgeführt. Nach 2 h Fermentationszeit erfolgte eine Zufütterung aus einer sterilen 30 % Na-Thiosulfat  $\times 5 H_2O$  - Stammlösung mit einer Rate von 3 ml pro Stunde. Nach Erreichen einer  $OD_{600}$  von 10 wurde eine sterile 56 % Glukose-Stammlösung mit einer Rate von etwa 8 - 14 ml pro Stunde zudosiert. Die Bestimmung des Glukosegehalts erfolgte enzymatisch mit Hilfe eines Glukoseanalysators der Firma YSI. Die Glukosekonzentration wurde während der Ferment-

tation durch kontinuierliches Zufüttern zwischen 10 und 20 g/l eingestellt. Der Gesamtgehalt an Cystein des Mediums wurde aus dem zellfreien Überstand der Probe colorimetrisch nach Gaitonde, M. K. (1967), Biochem. J. 104, 627 - 633, bestimmt. Hierbei ist zu beachten, daß das während der Fermentation in Lösung verbleibende Cystein vor allem als Thiazolidinderivat vorliegt, aber durch den Test trotzdem erfaßt wurde. Falls zur Umsetzung des gebildeten Cysteins zum Thiazolidinderivat das erforderliche Keton oder Aldehyd (in diesem Fall Pyruvat) nicht mehr in ausreichenden Mengen zur Verfügung steht, wird freies L-Cystein gebildet, das im Test ebenfalls miterfaßt wird. Bei einer Bildung von freiem L-Cystein wird dies durch den eingebrachten Luftsauerstoff während der Fermentation langsam zum L-Cystin oxidiert. Cystin ist im wäßrigen Milieu bei pH 7,0 schwer löslich und fällt als weißes Pellet aus. Bei Ausbildung eines unlöslichen Cystinpellets wurde dies nach Abtrennung des Überstands einer gezogenen Probe nach Zentrifugation in halbkonzentrierter HCl aufgelöst und ebenfalls unter reduzierenden Bedingungen (DTT) im oben erwähnten Test vermessen.

Unter diesen Bedingungen wurden nach einer Fermentationsdauer von 24 Stunden bzw. 48 Stunden die, in den Tabellen 1 und 2 gezeigten Ausbeuten erreicht. Hier wird deutlich, daß die erfindungsgemäß eingesetzten Gene, nämlich der mar-Locus von *E. coli* und insbesondere der von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin oder Thiazolidin-Mikroorganismen und Verfahren zur fermentativen Herstellung derselben.

Die Erfindung betrifft Mikroorganismen und Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin oder Thiazolidinderivaten. Der den ORF306 kodierende Abschnitt die Ausbeuten an Cystein und/oder Thiazolidinderivat (Gesamtcystein) deutlich Tabellen extra vermerkt.

Tabelle 1

Ausbeuten an Gesamtcystein mit dem cysEIV-Allel			
	Ausbeuten an Gesamtcystein (g/l) mit folgenden Plasmidkonstrukten		
Fermentationszeit	pACYC184/cysEIV	pACYC184/cysEIV-mar	pACYC184/cysEIV - GAPDH-ORF306
24 Stunden	1	3,8	3,8
48 Stunden	1,6	5	3,2 + 6,3*

\*als Pellet vorhandene Cystinmenge in Gramm pro Liter

Tabelle 2

Ausbeuten an Gesamtcystein mit dem cysEX-Allel			
	Ausbeuten an Gesamtcystein (g/l) mit folgenden Plasmidkonstrukten		
Fermentationszeit	pACYC184/cysEX	pACYC184/cysEX-mar	pACYC184/cysEX - GAPDH-ORF306
24 Stunden	4,9	5,9	12,8
48 Stunden	6,8	11,4	7,2 + 12,0*

\*als Pellet vorhandene Cystinmenge in Gramm pro Liter

#### Beispiel 4

##### Nachweis für die Bildung von 2-Methyl-thiazolidin-2,4-di-carbonsäure

Für den Nachweis der Bildung der 2-Methyl-thiazolidin-2,4-di-carbonsäure als Hauptprodukt der in Beispiel 3 beschriebenen Fermentation wurde das Konstrukt *E. coli* W3110 x pACYC184/cysEX-GAPDH-ORF306 wie in Beispiel 3 beschrieben fermentiert.

Nach 24 Stunden wurde der Fermentationsüberstand durch eine Zentrifugation von den Zellen abgetrennt. Die beschriebene Cysteinmessung ergab 12,8 g Gesamtcystein im Überstand. Der Fermentationsüberstand wurde dann mit  $\text{MgSO}_4$  in einer Endkonzentration von 0,3 M versetzt. Nach einer Inkubation dieses Überstands über Nacht bei 4°C unter Rühren bildete sich ein weißer Niederschlag. Bei diesem Niederschlag handelte es sich um das schwerlösliche Magnesiumsalz der 2-Methyl-thiazolidin-2, 4-dicarbonsäure.

Nach einer Abtrennung dieses Niederschlags durch Zentrifugation wurde im Überstand lediglich eine Restmenge

an Cystein von 2,5 g/l gemessen.

Der Niederschlag wurde in halbkonzentrierter HCl aufgelöst und ebenfalls einem Cysteintest unterworfen. Hier fand sich eine Konzentration von 9,5 g/l Cystein. Nach einer  $^1\text{H}$  und  $^{13}\text{C}$  NMR Untersuchung des in  $\text{D}_2\text{O} + \text{HCl}$  aufgelösten Niederschlags wurde dieser gegen eine Referenzsubstanz (M.P. Schubert, J. Biol. Chem. 121, 539-548 (1937)) als 2-Methyl-thiazolidin-2,4-di-carbonsäure identifiziert.

#### Beispiel 5

Unterschiedliche Toxizitäten von L-Cystein und 2-Methyl-Thiazolidin-2,4(R)-dicarbonsäure

Für diesen Versuch wurde

2-Methyl-Thiazolidin-2,4(R)-dicarbonsäure nach der Methode von Schubert (M.P. Schubert, J. Biol. Chem. 121, 539-548 (1937)) aus L-Cystein und Pyruvat synthetisiert. Eine Übernachtskultur von E. coli W3110 in LB-Medium wurde in 20 ml SM1-Medium (siehe Beispiel 3) geimpft, das mit 10 g/l Glucose, 10 % LB-Medium, 5 mg/l Vitamin B1, 15 mg/l Tetracyclin und jeweils entsprechenden Mengen L-Cystein oder 2-Methyl-Thiazolidin-2,4(R)-dicarbonsäure supplementiert war. Nach einer 7 stündigen Inkubation bei 37 °C zeigte sich im mit L-Cystein versetzten Medium kein Wachstum mehr ab 1 mM, während im, mit 2-Methyl-Thiazolidin-2,4(R)-dicarbonsäure versetzten, Medium ein Wachstum bis zu 50 mM zu beobachten war. Längere Inkubationszeiten waren aufgrund der leichten Oxidierbarkeit von Cystein nicht möglich. Somit ergibt sich bei

L-Cystein eine deutlich höhere Toxizität für E. coli als bei 2-Methyl-Thiazolidin-2,4(R)-dicarbonsäure. 2-Methyl-Thiazolidin-2,4(R)-dicarbonsäure eignet sich daher deutlich besser zur Gewinnung von L-Cystein durch fermentative Verfahren, auch wenn hierbei noch ein chemischer Schritt zur Freisetzung des L-Cysteins notwendig ist.

#### Beispiel 6

Verstärkte Bildung von N-Acetyl-L-Serin

Die Bildung von N-Acetyl-L-Serin erfolgt durch spontane Umlagerung aus O-Acetyl-L-Serin. Dieses O-Acetyl-L-Serin ist die unmittelbare Vorstufe von L-Cystein im Biosyntheseweg bei Bakterien. Bei unzureichendem oder fehlendem Schwefeleinbau in O-Acetyl-L-Serin ist das Endprodukt einer solchen Fermentation somit N-Acetyl-L-Serin. Die erfindungsgemäßen Gene erhöhen bei fehlender Schwefelzufuhr auch die Ausbeute an diesem Fermentationsprodukt.

Die in Beispiel 3 beschriebene Fermentation wurde ohne Thiosulfatfütterung durchgeführt. Die verwendeten Konstrukte, die die Wirksamkeit der vorliegenden Gene, insbesondere des ORF306 zeigen sollten, waren pACYC184/cysEX und pACYC184/cysEX-GAPDH-ORF306.

Wie die Ergebnisse in Tabelle 3 zeigen, erhöhen die erfindungsgemäßen Gene, insbesondere der ORF306, deutlich die Ausbeute an N-Acetyl-L-Serin in der Fermentation.

Tabelle 3

Ausbeuten an N-Acetyl-L-Serin nach 24 h Fermentation	
Konstrukt	N-Acetyl-L-Serin (g/l)
pACYC184/cysEX	7,6
pACYC184/cysEX-GAPDH-ORF306	15,9

Bei Verwendung von stärker feedback-resistenten cysE-Allelen (beispielsweise cysEXIV, cysEXI und cysEXXII aus DE 19539952) in Kombination mit den erfindungsgemäßen Genen können Ausbeuten an N-Acetyl-L-Serin von über 30 g/l erreicht werden.

SEQUENZPROTOKOLL

5

(1) ALLGEMEINE ANGABEN:

(i) ANMELDER:

10

(A) NAME: Consortium fuer elektrochemische Industrie GmbH

(B) STRASSE: Zielstattstr. 20

(C) ORT: Muenchen

(D) BUNDESLAND: Bayern

15

(E) LAND: Deutschland

(F) POSTLEITZAHL: 81379

(G) TELEFON: 089-74844-0

20

(H) TELEFAX: 089-74844-350

(ii) BEZEICHNUNG DER ERFINDUNG: Mikroorganismen und Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin oder Thiazolidinderivaten

25

(iii) ANZAHL DER SEQUENZEN: 12

(iv) COMPUTER-LESBARE FASSUNG:

30

(A) DATENTRÄGER: Floppy disk

(B) COMPUTER: IBM PC compatible

(C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS

35

(D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30 (EPA)

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 1:

40

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

45

(C) STRANGFORM:

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iv) ANTISENSE: NEIN

5 (v) ART DES FRAGMENTS: inneres Fragment

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Escherichia coli

10 (B) STAMM: K12

15 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

Met Ser Arg Lys Asp Gly Val Leu Ala Leu Leu Val Val Val Trp  
1 5 10 15

Gly Leu Asn Phe Val Val Ile Lys Val Gly Leu His Asn Met Pro Arg  
20 25 30

25 Leu Met Leu Ala Gly Leu Arg Phe Met Leu Val  
35 40

30 (2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

35 (A) LÄNGE: 306 Aminosäuren

(B) ART: Aminosäure

(C) STRANGFORM:

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

50 (vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: Escherichia coli

(B) STAMM: K12

55

EP 0 885 962 A1

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

5 Met Lys Phe Arg Gly Gly Arg Met Ser Arg Lys Asp Gly Val Leu Ala  
1 5 10 15

10 Leu Leu Val Val Val Val Trp Gly Leu Asn Phe Val Val Ile Lys Val  
20 25 30

15 Gly Leu His Asn Met Pro Arg Leu Met Leu Ala Gly Leu Arg Phe Met  
35 40 45

20 Leu Val Ala Phe Pro Ala Ile Phe Phe Val Ala Arg Pro Lys Val Pro  
50 55 60

25 Ala Phe Leu Phe Cys Ala Ile Asn Phe Gly Met Pro Ala Gly Leu Ala  
65 70 75 80

30 Ser Leu Val Leu Gln Ala Gln Ala Phe Phe Thr Ile Met Leu Gly Ala  
100 105 110

35 Phe Thr Phe Gly Glu Arg Leu His Gly Lys Gln Leu Ala Gly Ile Ala  
115 120 125

40 Leu Ala Ile Phe Gly Val Leu Val Leu Ile Glu Asp Ser Leu Asn Gly  
130 135 140

45 Gln His Val Ala Met Leu Gly Phe Met Leu Thr Leu Ala Ala Ala Phe  
145 150 155 160

50 Ser Trp Ala Cys Gly Asn Ile Phe Asn Lys Lys Ile Met Ser His Ser  
165 170 175

55 Thr Arg Pro Ala Val Met Ser Leu Val Ile Trp Ser Ala Leu Ile Pro  
180 185 190

Ile Ile Pro Phe Phe Val Ala Ser Leu Ile Leu Asp Gly Ser Ala Thr



EP 0 885 962 A1

	195	200	205
5	Met Ile His Ser Leu Val	Thr Ile Asp Met Thr Thr	Ile Leu Ser Leu
	210	215	220
10	Met Tyr Leu Ala Phe Val Ala Thr Ile Val Gly Tyr Gly Ile Trp Gly		
	225	230	235 240
15	Thr Leu Leu Gly Arg Tyr Glu Thr Trp Arg Val Ala Pro Leu Ser Leu		
	245	250	255
20	Leu Val Pro Val Val Gly Leu Ala Ser Ala Ala Leu Leu Leu Asp Glu		
	260	265	270
25	Arg Leu Thr Gly Leu Gln Phe Leu Gly Ala Val Leu Ile Met Thr Gly		
	275	280	285
30	Leu Tyr Ile Asn Val Phe Gly Leu Arg Trp Arg Lys Ala Val Lys Val		
	290	295	300
	Gly Ser		
	305		

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 3:

- 35 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:
- (A) LÄNGE: 299 Aminosäuren
  - (B) ART: Aminosäure
  - (C) STRANGFORM:
  - 40 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTISENSE: NEIN
- 50 (vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: Escherichia coli
  - (B) STAMM: K12
- 55

EP 0 885 962 A1

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

5 Met Ser Arg Lys Asp Gly Val Leu Ala Leu Leu Val Val Val Val Trp  
1 5 10 15

10 Gly Leu Asn Phe Val Val Ile Lys Val Gly Leu His Asn Met Pro Arg  
20 25 30

15 Leu Met Leu Ala Gly Leu Arg Phe Met Leu Val Ala Phe Pro Ala Ile  
35 40 45

Phe Phe Val Ala Arg Pro Lys Val Pro Leu Asn Leu Leu Leu Gly Tyr  
50 55 60

20 Gly Leu Thr Ile Ser Phe Ala Gln Phe Ala Phe Leu Phe Cys Ala Ile  
65 70 75 80

25 Asn Phe Gly Met Pro Ala Gly Leu Ala Ser Leu Val Leu Gln Ala Gln  
85 90 95

30 Ala Phe Phe Thr Ile Met Leu Gly Ala Phe Thr Phe Gly Glu Arg Leu  
100 105 110

35 His Gly Lys Gln Leu Ala Gly Ile Ala Leu Ala Ile Phe Gly Val Leu  
115 120 125

40 Val Leu Ile Glu Asp Ser Leu Asn Gly Gln His Val Ala Met Leu Gly  
130 135 140

Phe Met Leu Thr Leu Ala Ala Ala Phe Ser Trp Ala Cys Gly Asn Ile  
145 150 155 160

45 Phe Asn Lys Lys Ile Met Ser His Ser Thr Arg Pro Ala Val Met Ser  
165 170 175

50 Leu Val Ile Trp Ser Ala Leu Ile Pro Ile Ile Pro Phe Phe Val Ala  
180 185 190

55

EP 0 885 962 A1

5 Ser Leu Ile Leu Asp Gly Ser Ala Thr Met Ile His Ser Leu Val Thr  
 195 200 205  
 10 Ile Asp Met Thr Thr Ile Leu Ser Leu Met Tyr Leu Ala Phe Val Ala  
 210 215 220  
 15 Thr Ile Val Gly Tyr Gly Ile Trp Gly Thr Leu Leu Gly Arg Tyr Glu  
 225 230 235 240  
 20 Thr Trp Arg Val Ala Pro Leu Ser Leu Leu Val Pro Val Val Gly Leu  
 245 250 255  
 25 Ala Ser Ala Ala Leu Leu Leu Asp Glu Arg Leu Thr Gly Leu Gln Phe  
 260 265 270  
 30 Leu Gly Ala Val Leu Ile Met Thr Gly Leu Tyr Ile Asn Val Phe Gly  
 275 280 285  
 35 Leu Arg Trp Arg Lys Ala Val Lys Val Gly Ser  
 290 295

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 266 Aminosäuren  
 (B) ART: Aminosäure  
 (C) STRANGFORM:  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: Escherichia coli  
 (B) STAMM: K12

EP 0 885 962 A1

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

5	Met	Leu	Ala	Gly	Leu	Arg	Phe	Met	Leu	Val	Ala	Phe	Pro	Ala	Ile	Phe	1	5	10	15
10	Phe	Val	Ala	Arg	Pro	Lys	Val	Pro	Leu	Asn	Leu	Leu	Leu	Gly	Tyr	Gly	20	25	30	
15	Leu	Thr	Ile	Ser	Phe	Ala	Gln	Phe	Ala	Phe	Leu	Phe	Cys	Ala	Ile	Asn	35	40	45	
20	Phe	Gly	Met	Pro	Ala	Gly	Leu	Ala	Ser	Leu	Val	Leu	Gln	Ala	Gln	Ala	50	55	60	
25	Phe	Phe	Thr	Ile	Met	Leu	Gly	Ala	Phe	Thr	Phe	Gly	Glu	Arg	Leu	His	65	70	75	80
30	Gly	Lys	Gln	Leu	Ala	Gly	Ile	Ala	Leu	Ala	Ile	Phe	Gly	Val	Leu	Val	85	90	95	
35	Leu	Ile	Glu	Asp	Ser	Leu	Asn	Gly	Gln	His	Val	Ala	Met	Leu	Gly	Phe	100	105	110	
40	Met	Leu	Thr	Leu	Ala	Ala	Ala	Phe	Ser	Trp	Ala	Cys	Gly	Asn	Ile	Phe	115	120	125	
45	Asn	Lys	Lys	Ile	Met	Ser	His	Ser	Thr	Arg	Pro	Ala	Val	Met	Ser	Leu	130	135	140	
50	Val	Ile	Trp	Ser	Ala	Leu	Ile	Pro	Ile	Ile	Pro	Phe	Phe	Val	Ala	Ser	145	150	155	160
55	Leu	Ile	Leu	Asp	Gly	Ser	Ala	Thr	Met	Ile	His	Ser	Leu	Val	Thr	Ile	165	170	175	
	Asp	Met	Thr	Thr	Ile	Leu	Ser	Leu	Met	Tyr	Leu	Ala	Phe	Val	Ala	Thr	180	185	190	

EP 0 885 962 A1

11 Val Gly Tyr Gly Ile Trp Gly Thr Leu Leu Gly Arg Tyr Glu Thr  
195 200 205

Trp Arg Val Ala Pro Leu Ser Leu Leu Val Pro Val Val Gly Leu Ala  
210 215 220

Ser Ala Ala Leu Leu Leu Asp Glu Arg Leu Thr Gly Leu Gln Phe Leu  
225 230 235 240

Gly Ala Val Leu Ile Met Thr Gly Leu Tyr Ile Asn Val Phe Gly Leu  
245 250 255

Arg Trp Arg Lys Ala Val Lys Val Gly Ser  
260 265

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 38 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "synthetic"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

TGGACCAGAG CTCTGGCTGG CGCATCGCTT CGGCGTTG

38

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

5 (A) LÄNGE: 38 Basenpaare  
(B) ART: Nucleotid  
(C) STRANGFORM: Einzelstrang  
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure  
(A) BESCHREIBUNG: /desc = "synthetic"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iv) ANTISENSE: NEIN

20 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

25 CTCGATGCAT TACGTAGGGG TATCCGGGAG CGGTATTG 38

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 7:

30 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:  
(A) LÄNGE: 35 Basenpaare  
(B) ART: Nucleotid  
(C) STRANGFORM: Einzelstrang  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure  
(A) BESCHREIBUNG: /desc = "synthetic"

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

45  
50 (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

55 TTGGCGCGC CGATCAGCGG CGCGCAACC ATCAG 35

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 8:

- 5 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:  
 (A) LÄNGE: 38 Basenpaare  
 (B) ART: Nucleotid  
 (C) STRANGFORM: Einzelstrang  
 10 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure  
 15 (A) BESCHREIBUNG: /desc = "synthetic"
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 20 (iv) ANTISENSE: NEIN
- 25
- (xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

30 GCCTTAATTA AGATCGACAC TCAGGCTGTA CTGGCGAC

38

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 9:

- 35 (i) SEQUENZKENNZEICHEN:  
 (A) LÄNGE: 35 Basenpaare  
 (B) ART: Nucleotid  
 40 (C) STRANGFORM: Einzelstrang  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure  
 45 (A) BESCHREIBUNG: /desc = "synthetic"
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iv) ANTISENSE: NEIN
- 55

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

5 GGAATTCATT AATCCGGCGA CTAACGAATC AACTG 35

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 10:

10

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 36 Basenpaare

(B) ART: Nucleotid

15

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure

20

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "synthetic"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iv) ANTISENSE: NEIN

30

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

35 GCCTTAATTA ACGCTATGTA GTTTGTTCTG GCCCCG 36

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 11:

40

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 33 Basenpaare

(B) ART: Nucleotid

45

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure

50

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "synthetic"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55



(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

GTCGACGCGT GAGGCGAGTC AGTCGCGTAA TGC

33

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÄNGE: 43 Basenpaare

(B) ART: Nucleotid

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Sonstige Nucleinsäure

(A) BESCHREIBUNG: /desc = "synthetic"

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

GACCTTAATT AAGATCTCAT ATGTTCCACC AGCTATTTGT TAG

43

# Patentansprüche

1. Mikroorganismenstamm, der zur fermentativen Herstellung von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin und/oder Thiazolidinderivaten geeignet ist, dadurch gekennzeichnet, daß er mindestens ein Gen kodierend für ein Protein, welches direkt zur Ausschleusung von Antibiotika oder anderen für den Mikroorganismus toxischen Stoffen aus der Zelle geeignet ist, überexprimiert.
2. Mikroorganismenstamm gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß als Gen kodierend für ein Protein, welches direkt zur Ausschleusung von Antibiotika oder anderen für den Mikroorganismus toxischen Stoffen aus der Zelle geeignet ist, mindestens ein Gen ausgewählt aus der Gruppe mar-Locus, emr-Locus, acr-Locus, cmr-Locus,

mex-Genen, bmr-Gen, qacA-Gen, überexprimiert wird.

3. Mikroorganismenstamm gemäß Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß als Gen kodierend für ein Protein, welches direkt zur Ausschleusung von Antibiotika oder anderen für den Mikroorganismus toxischen Stoffen aus der Zelle geeignet ist, ein Gen kodierend für ein Protein umfassend die Sequenz MSR KDGVLALLVV VVWGLNFVVI KVGLHNMPRL MLAGLRFMLV (SEQ. ID NO: 1) oder eine Sequenz mit einer Sequenzhomologie größer 50 % zu SEQ.ID.NO: 1 überexprimiert wird.
4. Gen kodierend für ein Protein umfassend die Sequenz MSR KDGVLALLVV VVWGLNFVVI KVGLHNMPRL MLAGLRFMLV (SEQ. ID NO: 1) oder eine Sequenz mit einer Sequenzhomologie größer 50 % zu SEQ.ID.NO: 1.
5. Gen kodierend für ein Protein umfassend die Sequenz

1 MKFRGGRMSR KDGVLALLVV VVWGLNFVVI KVGLHNMPRL MLAGLRFMLV

51 AFP A I F F V A R P K V P L N L L L G Y G L T I S F A Q F A F L F C A I N F G M P A G L A S L V L

101 Q A Q A F F T I M L G A F T F G E R L H G K Q L A G I A L A I F G V L V L I E D S L N G Q H V A M L

151 G F M L T L A A A F S W A C G N I F N K K I M S H S T R P A V M S L V I W S A L I P I I P F F V A S

201 L I L D G S A T M I H S L V T I D M T T I L S L M Y L A F V A T I V G Y G I W G T L L G R Y E T W R

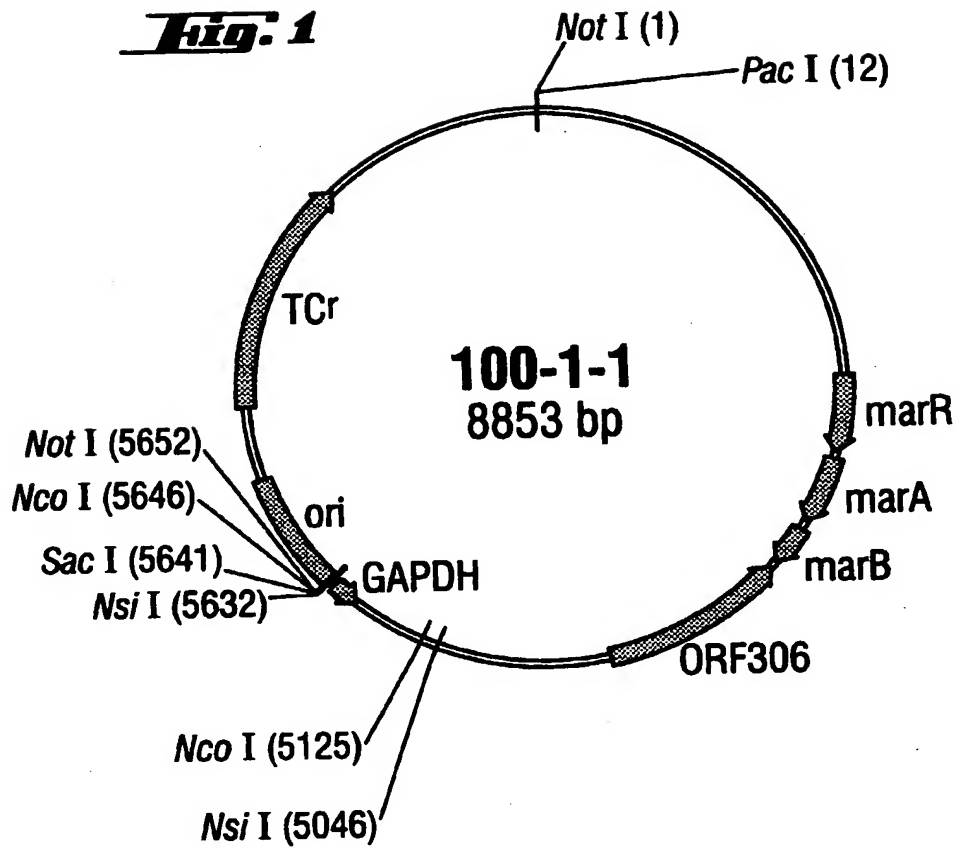
251 V A P L S L L V P V V G L A S A A L L L D E R L T G L Q F L G A V L I M T G L Y I N V F G L R W R K

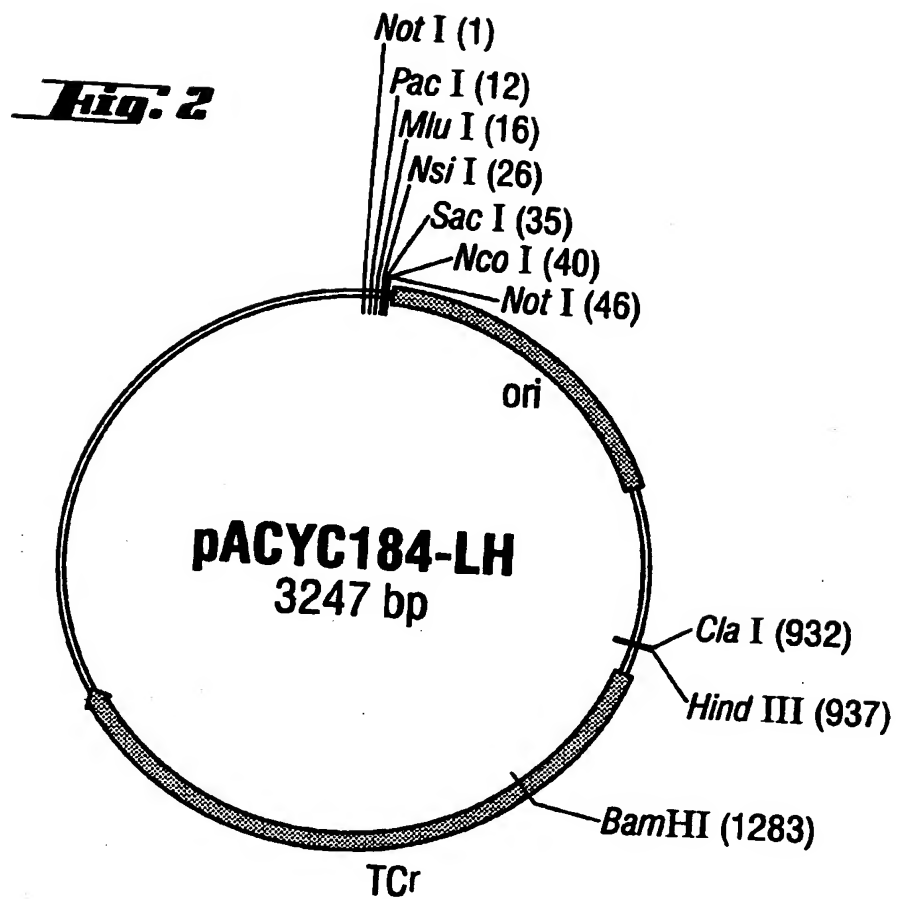
301 A V K V G S \* (SEQ. ID. NO: 2)

oder eine Sequenz mit einer Sequenzhomologie größer 50 % zu SEQ. ID. NO: 2.

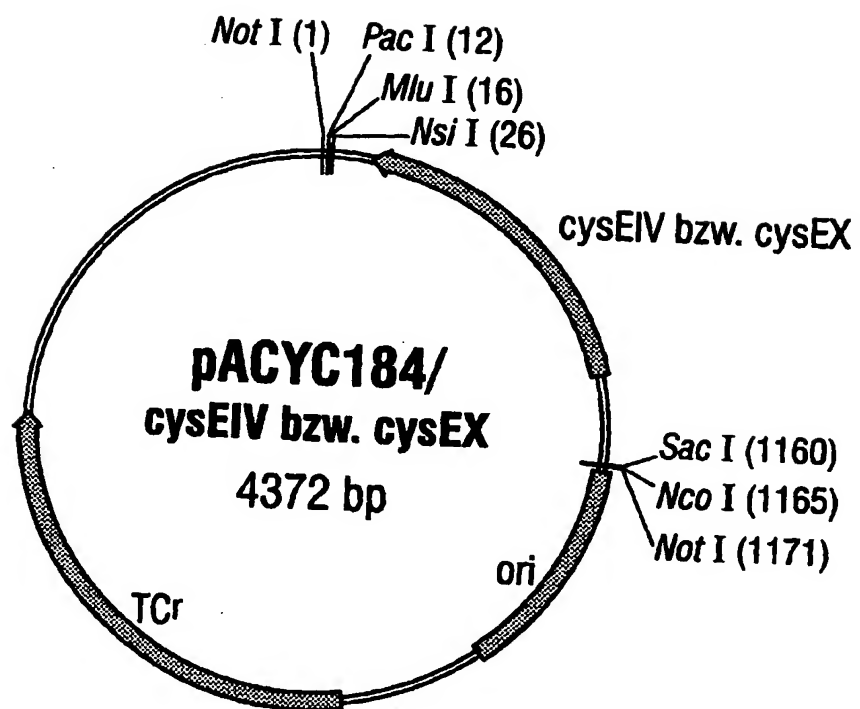
6. Proteine umfassend die Sequenz MSR KDGVLALLVV VVWGLNFVVI KVGLHNMPRL MLAGLRFMLV (SEQ. ID NO: 1) oder eine Sequenz mit einer Sequenzhomologie größer 50 % zu SEQ. ID. NO: 1.
7. Plasmid enthaltend mindestens ein Gen gemäß Anspruch 4 oder 5.
8. Verfahren zur Herstellung von L-Cystein, L-Cystin, N-Acetyl-Serin oder Thiazolidinderivaten hiervon dadurch gekennzeichnet, daß ein Mikroorganismenstamm gemäß Anspruch 1, 2 oder 3 in an sich bekannter Art und Weise in der Fermentation eingesetzt wird.
9. Verwendung von Efflux-Genen zur verstärkten Expression von Aminosäuren oder intrazellulär gebildeten Aminosäurederivaten in der Fermentation.
10. Verfahren zur Herstellung von L-Cystein welche dadurch gekennzeichnet sind, daß sich von einem Mikroorganismus intrazellulär gebildetes L-Cystein mit in dem Mikroorganismus intrazellulär vorhandenen Keton oder Aldehyd in diesem Mikroorganismus intrazellulär zu Thiazolidinderivat umsetzt, dieses Thiazolidinderivat mittels eines Proteins welches direkt zur Ausschleusung von Antibiotika oder anderen für den Mikroorganismus toxischen Stoffen aus der Zelle geeignet ist, aus dem Mikroorganismus ausgeschleust wird und ggf. nach Abtrennen des Thiazolidinderivates durch Gleichgewichtsverschiebung des Reaktionsgleichgewichts zwischen L-Cystein und Thiazolidinderivat in Richtung von L-Cystein L-Cystein gewonnen wird.

***Fig. 1***

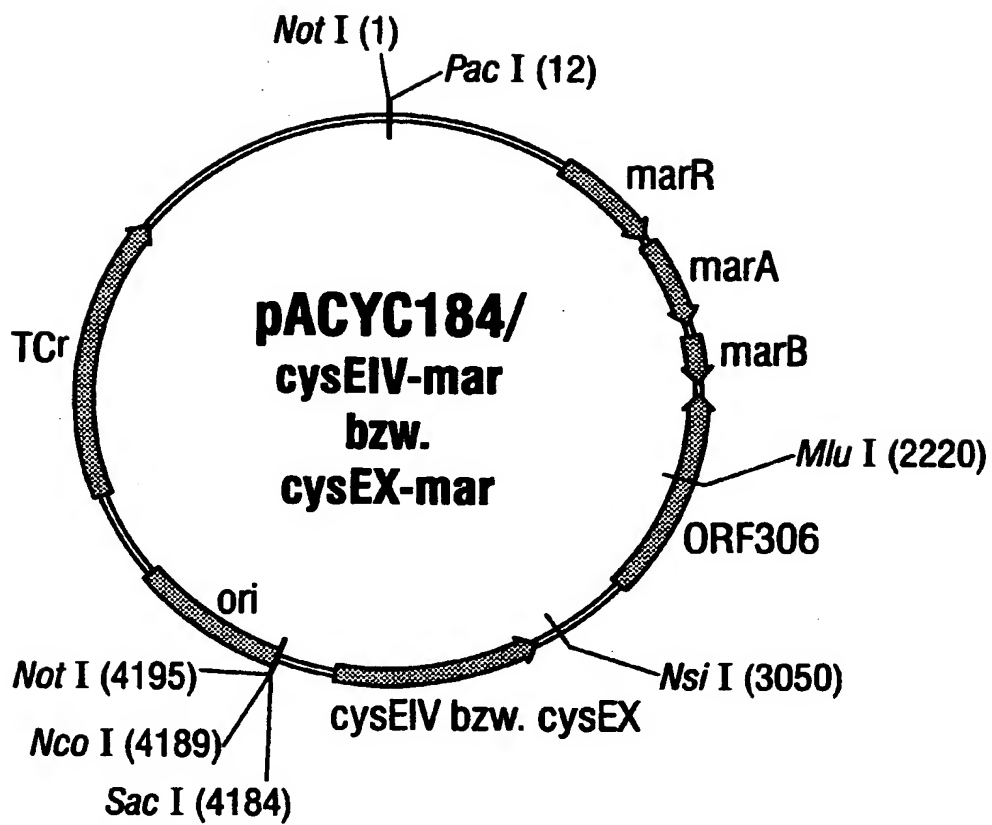




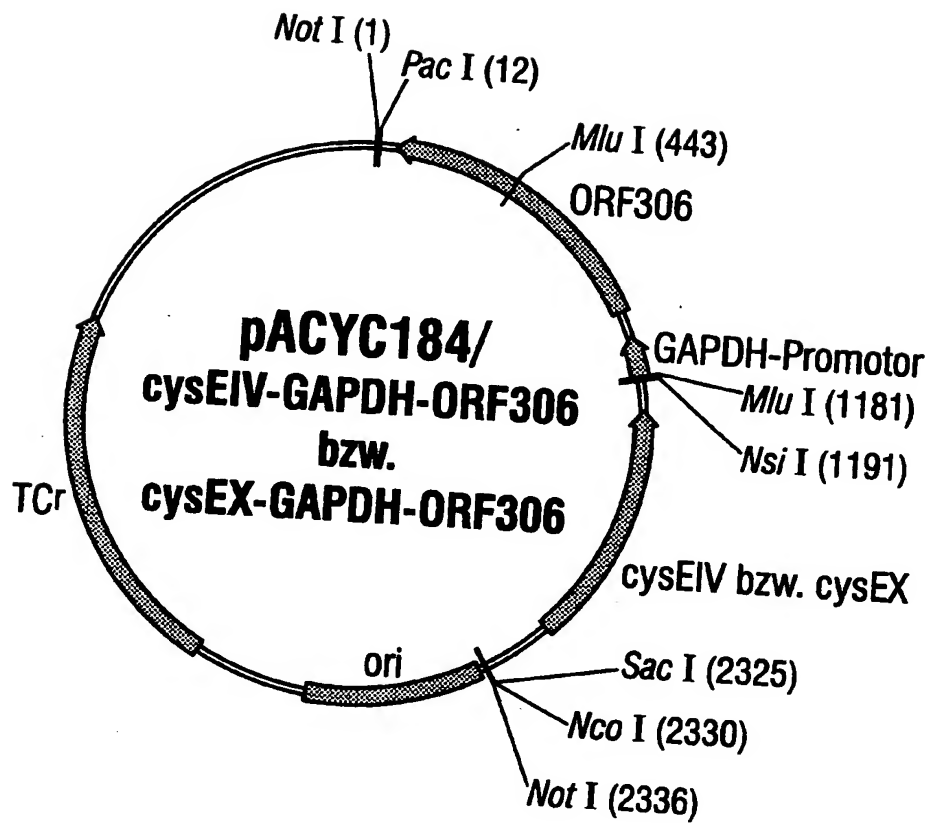
**Fig. 3**



**Fig. 4**



**Fig. 5**





Europäisches  
Patentamt

EUROPÄISCHER RECHERCHENBERICHT

Nummer der Anmeldung  
EP 98 10 9269

EINSCHLÄGIGE DOKUMENTE			
Kategorie	Kennzeichnung des Dokuments mit Angabe, soweit erforderlich, der maßgeblichen Teile	Betrifft Anspruch	KLASSIFIKATION DER ANMELDUNG (Int.Cl.6)
X	NILSEN I ET AL: "Isolation of cmr, a novel Escherichia coli chloramphenicol resistance gene encoding a putative efflux pump" J. BACTERIOL., Bd. 178, Nr. 11, Juni 1996, Seiten 3188-3193, XP002078491 * Zusammenfassung *	1,2	C12N15/31 C12N1/21 C12P13/12 C07K14/245
X	DATABASE EMPRO E.M.B.L. Databases Accession Number: D90797, 21. Dezember 1996 MORI H: "E. coli genomic DNA" XP002078494 * Nukleotiden 2834 bis 3754 *	4,5,7	
X	VRLJIC M ET AL: "A NEW TYPE OF TRANSPORT WITH A NEW TYPE OF CELLULAR FUNCTION: L-LYSINE EXPORT FROM CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM" MOLECULAR MICROBIOLOGY, Bd. 22, Nr. 5, Dezember 1996, Seiten 815-826, XP000675494 * Zusammenfassung *	1,9	
P,X	DE 195 48 222 A (KERNFORSCHUNGSANLAGE JUELICH) 26. Juni 1997 * Zusammenfassung *	9	
D,A	DE 195 39 952 A (CONSORTIUM ELEKTROCHEM IND) 30. April 1997 --- -/-		
Der vorliegende Recherchenbericht wurde für alle Patentansprüche erstellt			
Recherchenort DEN HAAG		Abschlußdatum der Recherche 25. September 1998	Prüfer Lonnoy, O
KATEGORIE DER GENANNTEN DOKUMENTE X : von besonderer Bedeutung allein betrachtet Y : von besonderer Bedeutung in Verbindung mit einer anderen Veröffentlichung derselben Kategorie A : technologischer Hintergrund O : nichttechnische Offenbarung P : Zwischenliteratur		T : der Erfindung zugrunde liegende Theorien oder Grundsätze E : älteres Patentdokument, das jedoch erst am oder nach dem Anmeldedatum veröffentlicht worden ist D : in der Anmeldung angeführtes Dokument L : aus anderen Gründen angeführtes Dokument & : Mitglied der gleichen Patentfamilie, übereinstimmendes Dokument	

EPO FORM 1503 03/92 (P4/C03)